1	GCACGAGGAACAGACACTTTCTCATGTCCAGGGTCAGATTACAAGAGCACTCAAGACTT	60
61	TACTGACGAAAACTCAGGAAATCCTCTATCACAAAGAGGTTTGGCAACTAAACTAAGACA	120
121	TTAAAAGGAAAATACCAGATGCCACTCTGCAGGCTGCAATAACTACTACTTACT	180
181 1	ATTCAAACCCTCCAGAATCAACAGTTATCAGGTAACCAACAAGAAATGCAAGCCGTCGAC M Q A V D	240 5
241 6	AATCTCACCTCTGCGCCTGGGAACACCAGTCTGTGCACCAGAGACTACAAAATCACCCAG N L T S A P G N T S L C T R D Y K I T Q	300 25
301 26	GTCCTCTTCCCACTGCTCTACACTGTCCTGTTTTTTGTTGGACTTATCACAAATGGCCTG	360 45
361 46	GCGATGAGGATTITCTTTCAAATCCGGAGTAAATCAAACTTTATTATTITTCTTAAGAAC A M R I F F Q I R S K S N F I I F L K N	420 65
421 66	ACAGTCATTTCTGATCTTCTCATGATTCTGACTTTTCCATTCAAAATTCTTAGTGATGCC T V I S D L L M I L T F P F K I L S D A	480 85
481 86	AAACTGGGAACAGGACCACTGAGAACTTTTGTGTGTCAAGTTACCTCCGTCATATTTTAT K L G T G P L R T F V C Q V T S V I F Y	540 105
541 106	TTCACAATGTATATCAGTATTTCATTCCTGGGACTGATAACTATCGATCG	600 125
601 126		660 145
	GTTGTCATCTGGGCATTCATGTTCTTACTCTCTTtGCCTAACATGATTCTGACCAACAGG	720 165
	CAGCCGAGAGACAAGAATGTGaAGAAaTGCTCTTTCCTTAAATCAGAGTTCGGTCTAGTC	780 185
781 186	TGGCATGAAATAGTAAATTACATCTGTCAAGTCATTTTCTGGATTAATTTCTTAATTGTT	840 205

FIG.1A

ATTGTATGTTATACACTCATTACAAAAGAACTGTACCGGTCATACGTAAGAACGAGGGGT 900 841 225 YTLITKELYRSYVR 206 GTAGGTAAAGTCCCCAGGAAAAAGGTGAACGTCAAAGTTTTCATTATCATTGCTGTATTC 960 VNVKVFI Ι Ι Α 245 PRKK 226 ٧ G K TITATITGTTTTGTTCCTTTCCATTTTGCCCGAATTCCTTACACCCTGAGCCAAACCCGG 1020 PFHFARIPYTLSQT 265 246 I C F ٧ F GATGTCTTTGACTGCACtGcTGAAAATACTCTGTTCTATGTGAAAGAGAGCACTCTGTGG 1080 1021 285 V K E S T NTLFY TAE 266 V F D C TTAACTTCCTTAAATGCATGCCTGGATCCGTTCATCTATTTTTTCCTTTGCAAGTCCTTC 1140 1081 ACLDPFIYFFLCKSF 305 LTSLN 286 AGAAATTCCTTGATAAGTATGCTGAAGTGCCCCAATTCTGCAACATCTCTGTCCCAGGAC 1200 1141 325 N S L I S M L K C P N S A T S L S Q D 306 AATAGGAAAAAGAACAGGATGGTGGTGAcCCAAATGAAGAGACTCCAATGTAAACAAAT 1260 1201 NRKKEQDGGDPNEETPM 343 326 TAACTAAGGAAATATTTCAATCTCTTTGTGTTCAGAACTCGTTAAAGCAAAGCGCTAAGT 1320 1261 AAAAATATTAACTGACGAAGAAGCAACTAAGTTAATAATAATGACTCTAAAGAAACAGAA 1380 1321 1440 GATTACAAAAGCAATTTTCATTTACCTTTCCAGTATGAAAAGCTATCTTAAAATATAGAA 1381 1500 1441 CATGCAAAACTACACAGAATTCATGTTTTGgCAGAGTTTTGGCAAAATGAGTAATCATAT 1560 1501 AATATTTACTGTAATTTTTAAAATACATTATCGTTCACAATTTTATTTTTTCATAATCAA 1620 1561 1621 CTAAGGAAGAACGATCAATTGGATATAATCTTCTTACCAAAAATGATAGTTAAAATGTAT 1680 ATATATCCTAGTCCCCTAACCaAATCCTGACCTATTGGGATACTTATAAAAATTTAAGTA 1740 1681 AGTGGGATACACAAAGAATAATAACTATTAACTTTTCATTATTAGCCAAAAACCTAAGGG 1800

FIG.1B

\$ ,~ ,

1801	ATTTAAACTAATTGAAaCTGTATTTGATTGGACTTAATTTTTTATGTTTATTTAGAAGAT	1860
1861	AAAGATTTAAGAAGACCTTTACAATAAAGAGAAGAAATATCGAAGTCATTAAAATAAGGA	1920
1921	GACTTACTTTTATGACATTCTAATACTAAAAAATATAGAAATATTTCCTTAATTCTAGAG	1980
1981	AAACTAGTTTTACTAATTTTTTACAACTTCAATAATACCATCACTGACACTTACCTTTAT	2040
2041	TAATTAGCTTCTAGAAAATAGCTGCTAATTAGGTTAATGAACATTTTACCTTAGTGAAAA	2100
2101	AAAaTTAATTAAATATGATTACAAAGTTGCACAGCATAACTACTGAGAGGAAAGTGATTG	2160
2161	ATCTGTTTGTAATTACTTGTTTGTATTGGTGTGTATAAAATACAAATTTACATTAAACTC	2220
2221	TAAAtcattaaaAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	

FIG.1C

٠.

1	MQAVDNLTSAPGNTSLCTRDYKITQVLFPLLYTVLFFVGLITNGLA :  .: : .:.   .:::    .:: ::  :.	46
3	IQMANNFTPPSATPQGNDCDLYAHHSTARIVMPLHYSLVFIIGLVGNLLA	52
47	MRIFFQIRSKSN.FIIFLKNTVISDLLMILTFPFKILSDAKLGTGPLRTF : ::.           .:: .               : .	95
53	LVVIVQNRKKINSTTLYSTNLVISDILFTTALPTRIAYYAMGFDWRIGDA	102
96	VCQVTSVIFYFTMYISISFLGLITIDRYQKTTRPFKTSNPKNLLGAKILS : .: .:: :.   ::.   ::   ::   ::   ::	145
103	LCRITALVFYINTYAGVNFMTCLSIDRFIAVVHPLRYNKIKRIEHAKGVC	152
146	<pre>VVIWAFMFLLSLPNMILTNRQPRDKNVKKCSFLKSEFGLVWHEIVNYI :::  ::  ::  ::  ::  ::: ::: ::: ::: ::</pre>	193
153	IFVWILVFAQTLPLLINPMSKQEAERITCMEYPNFEETKSLPWILLGACF	202
194	CQVIFWINFLIVIVCYTLITKELYRSYVRTRGVGKVPRKKVNVKVFII::::::::::::::::::::::::::::::::::	241
203	IGYVLPLIIILICYSQICCKLFRTAKQNPLTEKSGVNKKALNTIILII	250
242	IAVFFICFVPFHFARIPYTLSQTRDVFDCTAENTLFYVKESTLWLTSL	289
251	:   .:  . : .    :   :::  :::  :   .:  V.VFVLCFTPYHVAIIQHMIKKLRFSNFLECSQRHSFQISLHFTVCLMNF	299
290	NACLDPFIYFFLCKSFRNSLISMLKCPNSATSLSQDNRKKEQDGGDPNEE	339
300	. :         ::::.    .   . :  . :::.:  NCCMDPFIYFFACKGYKRKVMRMLKRQVS.VSISSAVKSAPEENSREMTE	348
	TPM 342	
	.    TOM 351	

FIG.2

GGCACGAGCCCACCCTGCGTCGGGCCTCAGTCAGCCCCCGGGGGAGGCCATGAACGCCAC 60 A T N 1 120 61 G T P V A P E S C Q Q L A A G G H S R L 24 5 180 121 44 NHSGRLAGRGGP E D G H Y 25 CGGCCTGGGGGCCCTGCGGGGGCTGTCGGTGGCCGCCAGCTGCCTGGTGGTGCTGGAGAA 240 181 64 G L G A L R G L S V A A S C L V 45 CTTGCTGGTGCTGGCGGCCATCACCAGCCACATGCGGTCGCAACGCTGGGTCTACTATTG 300 241 84 V L A A I T S H M R S Q R W V Y Y C 65 L CCTGGTGAACATTACGATGAGTGACCTGCTCACGGGCGCGCCCTACCTGGCCAACGTGCT 360 301 104 MSDLLTGAAYL LVNI Τ 85 GCTGTCGGGGGCCCGCACCTTCCGTCTGGCGCCCCAGTGGTTCCTACGGAAGGGCCT 420 361 ARTFRLAPAQWFLRKGL 124 105 GCTCTTCACCGCCCTGGCCGCCTCCACCTTCAGCCTGCTCTTCACTGCAGGGTTGCGCTT 480 421 LFTALAASTFSLLFTAGLRF 144 125 TGCCACCATGGTGCGGCCGGTGGCCGAGAGCGGGCCACCAAGACCAGCCGCGTCTACGG 540 481 TMVRPVAESGATKTSRVY 164 145 CTTCATCGGCCTCTGCTGGCTGCCGCGCTGCTGGGGATGCTGCCTTTGCTGGGCTG 600 541 IGLCWLLAALLGMLPLLGW 184 165 F GAACTGCCTGTGCGCCTTTGACCGCTGCTCCAGCCTTCTGCCCCTCTACTCCAAGCGCTA 660 601 204 C L C A F D R C S S L L P L Y SKRY 185 720 CATCCTCTTCTGCCTGGTGATCTTCGCCGGCGTCCTGGCCACCATCATGGGCCTCTATGG 661 224 G IFAGVLATI ٧ 205 LFC 780 721 I F R L V Q A S G Q K A P R P A A R R 244 225

CAAGGCCCGCCGCCTGCTGAAGACGGTGCTGATGATCCTGCTGGCCTTCTTGGTGTGCTG 840 781 RLLKTVLMILLAFL 264 245 GGGACCACTCTTCGGGCTGCTGCCGACGTCTTTGGCTCCAACCTCTGGGCCCAGGA 900 841 284 LLADVFGSN 265 GPLFG L GTACCTGCGGGGCATGGACTGGATCCTGGCCCTGGCCGTCCTCAACTCGGCGGTCAACCC 960 901 304 ٧ N S Α ٧ D W ILA LA L L R G M 285 CATCATCTACTCCTTCCGCAGCAGGGAGGTGTGCAGAGCCGTGCTCAGCTTCCTCTGCTG 1020 961 324 IYSFRSREVCRAV L S F 305 CGGGTGTCTCCGGCTGGGCATGCGAGGGCCCGGGGACTGCCTGGCCCGGGCCGTCGAGGC 1080 1021 GCLRLGMRGPGDCLARAVEA 344 325 TCACTCCGGAGCTTCCACCACCGACAGCTCTCTGAGGCCAAGGGACAGCTTTCGCGGCTC 1140 1081 H S G A S T T D S S L R P R D S F 364 R G 345 CCGCTCGCTCAGCTTTCGGATGCGGGAGCCCCTGTCCAGCATCTCCAGCGTGCGGAGCAT 1200 1141 384 LSFRMRE PLSSI S S 365 R S 1260 1201 385 385 CCTGGGGTACAGGAAGCTGTGCACGCAACCTCGCCCTGTATGGGGAGCAGGGAACGGG 1320 1261 ACAGGCCCCATGGACTTGCCCGGTGGCCTCTCGGGGCTTCTGACGCCATATGGACTTGC 1380 1321 CCATTGCCTATGGCTCACCCTGGACAAGGAGGCAACCACCCCACCTCCCCGTAGGAGCAG 1440 1381 AGAGCACCCTGGTGTGGGGGCGAGTGGGTTCCCCACAACCCCGCTTCTGTGTGATTCTGG 1500 1441 1501 GGAAGTCCCGGCCCCTCTCTGGGCCTCAGTAGGGCTCCCAGGCTGCAAGGGGTGGACTGT 1560 1621 AAAAAAAAAAAAAAA 1637

FIG.3B

٠...

1	MNATGTPVAPESCQQLAAGGHSRLIVLHYNHSGRLAGRGGPEDGGLGALR	50
1	.: :. :: :: :       : ::. : :: . MGPTSVPLVKAHRSSVSDYVNYDIIVRHYNYTGKLNISADKEN.SIKLTS	49
51	GLSVAASCLVVLENLLVLAAITSHMRSQRWVYYCLVNITMSDLLTGAAYL .: : : :::  ::   . : :  :   :. :.:   .  .	100
50	.: :  :::   ::   . : :  :   :. :.:    .   VVFILICCFIILENIFVLLTIWKTKKFHRPMYYFIGNLALSDLLAGVAYT	99
101	ANVLLSGARTFRLAPAQWFLRKGLLFTALAASTFSLLFTAGLRFATMVRP	150
100	ANLLLSGATTYKLTPAQWFLREGSMFVALSASVFSLLAIAIERYITMLKM	149
151	VAESGATKTSRVYGFIGLCWLLAALLGMLPLLGWNCLCAFDRCSSLLPLY  ::: :  ::.:    ::    ::	200
150	KLHNGS.NNFRLFLLISACWVISLILGGLPIMGWNCISALSSCSTVLPLY	198
201	SKRYILFCLVIFAGVLATIMGLYGAIFRLVQASGQKAPRPAARRKARR	248
199	HKHYILFCTTVFTLLLLSIVILYCRIYSLVRTRSRRLTFRKNISKASRSS	248
249	LLKTVLMILLAFLVCWGPLFGLLLADVFGSNLWAQEYLRGMDWILA	294
249	ENVALLKTVIIVLSVFIACWAPLFILLLLDV.GCKVKTCDILFRAEYFLV	297
295	LAVLNSAVNPIIYSFRSREVCRAVLSFLCCGCLRLGMRGPGDCLARAVEA	344
298	:.     ::: :  .:::   ::::: ::  LAVLNSGTNPIIYTLTNKEMRRAFIRIMSCCKCPSGDSAGKFKRPIIA	345
345	HSGASTTDSSLRPRDSFRGSRSLSFRMREPLSSIS 379	
346	:  : .  :: :.    GMEFSRSKSDNSSHPQKDEGDNPETIMSSGNVNSSS 381	

FIG.4